

# Segundo Documento de Líneas Directrices

para la Elaboración de Planes Nacionales de Gestión  
de los Recursos Genéticos de Animales de Granja

Medida de la Diversidad de los  
Animales Domésticos (MoDAD):  
Marcadores Microsatélites Recomendados



Food  
and  
Agriculture  
Organization  
of  
the  
United  
Nations

Organisation  
des  
Nations  
Unies  
pour  
l'alimentation  
et  
l'agriculture

Organización  
de las  
Naciones  
Unidas  
para la  
Agricultura  
y la  
Alimentación



*Initiative for  
Domestic  
Animal  
Diversity*

*Initiative pour  
la Diversité  
des Animaux  
Domestiques*

*Iniciativa para  
la Diversidad  
de los Animales  
Domésticos*

<b>1. Introducción</b>	<b>3</b>
<b>Grupo Consultivo - Miembros</b>	<b>4</b>
<b>2. Listas de Microsatélites</b>	<b>6</b>
<b>2.1. Bovinos</b>	<b>6</b>
<b>2.2. Gallina</b>	<b>13</b>
<b>2.3. Oveja</b>	<b>15</b>
<b>2.4. Cerdo</b>	<b>19</b>

## ► 1. Introducción

El Grupo Consultivo tenía por tarea reunir una lista de los microsatélites para el análisis de las distancias genéticas dentro de cada especie de animales domésticos, apoyándose en las recomendaciones de un Grupo de Trabajo (Informe: "Un programa mundial integrado para determinar las relaciones entre las razas de cada especie de animales domésticos" de la División de Producción y Salud Animal, FAO, 1993, ISBN No. 1 86389 0602). El Grupo de Trabajo recomendó utilizar veinticinco locus microsatélites. El Grupo de Trabajo definió los siguientes criterios para la elección de los microsatélites apropiados:

1. Los marcadores microsatélites deben estar en el dominio público,
2. En la medida de lo posible, se deberán utilizar los locus microsatélites que han sido identificados en el curso de los estudios de mapeo y de entre estos, retener preferiblemente aquellos de los que se sabe que no están relacionados,
3. Las variantes de microsatélites deben tener una heredabilidad mendeliana demostrada (los locus microsatélites altamente mutables podrían alejarse de la segregación mendeliana y no ser convenientes para los análisis de distancias genéticas),
4. Cada locus microsatélite debe tener al menos cuatro alelos,
5. La información sobre los microsatélites debe haber sido publicada,
6. Los locus microsatélites que pueden ser utilizados sobre varias especies vecinas, como por ejemplo los bovinos, cabras y ovejas son preferibles.

Las listas de microsatélites mencionadas debajo han sido compiladas de acuerdo con estas recomendaciones en la medida de lo posible. Un número suficiente de marcadores microsatélites están desde ya

disponibles para bovinos, gallinas, ovejas y cerdos. Una lista de microsatélites y asnos seguirá a continuación.

►• Grupo Consultivo - Miembros

Dr. D.G. Bradley  
Department of Genetics  
University of Dublin  
Trinity College  
Dublin 2 IRELAND  
(dbradley@otto.tcd.ie)

Prof. R. Fries (Chairman)  
Chair of Animal Breeding  
Technical University of Munich  
D-85350 Freising-Weihenstephan  
GERMANY  
(fries@pollux.edv.agrar.tu-muenchen.de)

Dr. N. Bumstead  
Institute for Animal Health  
Campton Laboratory  
Campton, Nr. Newbury  
Berkshire RG16 0NN  
ENGLAND  
(nat.bumstead@bbsrc.ac.uk)

Prof. F.W. Nicholas  
Department of Animal Science  
University of Sydney  
New South Wales 2006  
AUSTRALIA  
(frankn@doolittle.vetsci.su.oz.au)

Dr. E.G. Cothran  
Department of Veterinary Science  
University of Kentucky  
101 Animal Pathology Building  
Lexington, Kentucky 40546-0075  
USA  
(gcothran@mik.uky.edu)

Dr. L. Ollivier  
INRA, Station de Génétique  
Quantitative et Appliquée  
F-78352 Jouy-en-Josas  
FRANCE  
(ugenlol@dga1.jouy.inra.fr)

Dr. A.M. Crawford  
Ag Research Molecular Biology Unit  
Department of Biochemistry  
University of Otago  
PO Box 56  
Dunedin  
NEW ZEALAND  
(crawforda@invermay.cri.nz)

## ▶ 2. Listas de Microsatélites

### ▶• 2.1. Bovinos

(reunidas por D. Bradley)

Recomendar un grupo de marcadores para su uso generalizado en los bovinos es un problema particular que no se encuentra en ninguna otra especie doméstica. Los bovinos han sido desde siempre materia de numerosas actividades de investigación y un importante número de datos relacionados con la variación genética en las diferentes razas ya existe o está en preparación. Desgraciadamente, la elección de los marcadores entre los laboratorios es bastante diferente lo cual hace que el análisis comparado de los resultados producidos sea difícil. En el caso presente, nosotros buscamos establecer una lista de 30 marcadores los cuales pueden ser recomendados para un trabajo destinado a permitir el análisis comparado de futuros datos con la incorporación, en la medida de lo posible, de los trabajos anteriores.

Se han utilizado los siguientes criterios (complementarios de los establecidos por el grupo de trabajo) para elegir a los marcadores, aunque no siempre lo ha sido en todos los casos.

1. Existencia de datos de poblaciones anteriores
2. Legibilidad del marcador
3. Número de alelos
4. Aptitud para su uso en un secuenciador automático
5. Posibilidad de multiplexado
6. Utilidad interespecífica.

Estos criterios habían sido consensuados en la reunión del programa AIR de la Unión Europea "Análisis de la diversidad genética en los bovinos para preservar las futuras opciones de selección", que se realizó en Dublín en 1955. Los primeros 11 marcadores listados debajo fueron también motivo de un acuerdo durante esta reunión y por consecuencia, deben ser considerados como los elementos más seguros de la lista. Los marcadores 12 a 16 fueron recomendados por Barbara Harliziusas, sobre la base de su utilidad en su estudio de razas bovinas alemanas; los marcadores 17 a 24 figuran todos en un conjunto de reacciones multiplex que me han sido comunicadas por Jan de Ruiter y los marcadores 25 a 30, figuran en un subconjunto de locus ILSTS que han sido seleccionados por su satisfactorio comportamiento en un estudio del ILRI sobre poblaciones de razas africanas (comunicado por Olivier Hannotte) .No fue posible satisfacer la exigencia de utilidad interespecífica, principalmente porque la preferencia le fue dada a los microsatélites para los cuales existían ya datos de población

**Bovinos:**

No.	Marcadores	Car	Secuencia de primers (5' - 3')	Referencias
1	ETH225 (D9S1)	9	GATCACCTTGCCACTATTTCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	Steffen et al. (1993)
2	ETH152 (D5S1)	5	TACTCGTAGGGCAGGCTGCCTG GAGACCTCAGGGTTGGTGATCAG	Steffen et al. (1993)
3	HEL1 (D15S10)	15	CAACAGCTATTTAACAAGGA AGGCTACAGTCCATGGGATT	Kaukinen & Varvio (1993)
4	ILSTS005 (D10S25)	10	GGAAGCAATGAAATCTATAGCC TGTTCTGTGAGTTTGTAAGC	Brezinsky et al. (1993a)
5	HEL5 <sup>1</sup> (D21S15)	21	GCAGGATCACTTGTTAGGGA AGACGTTAGTGACATTAAC	Kaukinen & Varvio (1993)
6	INRA005 <sup>2</sup> (D12S4)	12	CAATCTGCATGAAGTATAAATAT CTTCAGGCATACCCTACACC	Vaiman et al. (1992)
7	INRA035 (D16S11)	16	ATCCTTTGCAGCCTCCACATTG TTGTGCTTTATGACACTATCCG	Vaiman et al. (1994)
8	INRA063 (D18S5)	18	ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC AAACCACAGAAATGCTTGGAAG	Vaiman et al. (1994)
9	MM8 (D2S29)	2	CCCAAGGACAGAAAAGACT CTCAAGATAAGACCACACC	Mommens et al. (1994)
10	MM12 (D9S20)	9	CAAGACAGGTGTTTCAATCT ATCGACTCTGGGGATGATGT	Mommens et al. (1994)
11	HEL9 (D8S4)	8	CCCATTGAGTCTTCAGAGGT CACATCCATGTTCTCACCAC	Kaukinen & Varvio (1993)
12	CSRM60 (D10S5)	10	AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCA AGGACCAGATCGTGAAAGGCATAG	Moore et al. (1994)
13	CSSM66 <sup>3</sup> (D14S31)	14	ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG	Barendse et al. (1994)
14	ETH185 (D17S1)	17	TGCATGGACAGAGCAGCCTGGC GCACCCCAACGAAAGCTCCCAG	Steffen et al. (1993)
15	HAUT24 (D22S26)	22	CTCTCTGCCTTTGTCCCTGT AATACACTTTAGGAGAAAAATA	Harlizius (comm. pers.)
16	HAUT27 (D26S21)	26	TTTTATGTTCAATTTTTGACTGG AACTGCTGAAATCTCCATCTTA	Harlizius (comm. pers.)
17	ETH3 (D19S2)	19	GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	Solinas Toldo et al. (1993)

<sup>1, 2, 3, 4, 5</sup> la distancia genética entre pares de marcadores sobre los mismos cromosomas no es conocida.



**Bovinos:** Sigue

No.	Marcadores	Car	Secuencia de primers (5' - 3')	Referencias
18	ETH10 <sup>4</sup> (D5S3)	5	G TTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCCTTTCTCTTCTC	Solinas Toldo et al. (1993)
19	INRA032 <sup>5</sup> (D11S9)	11	AAACTGTATTCTCTAATAGCAC GCAAGACATATCTCCATTCTTT	Vaiman et al. (1994)
20	INRA023 (D3S10)	3	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC TAACTACAGGGTGTTAGATGAACTCA	Vaiman et al. (1994)
21	BM2113 (D2S26)	2	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTAGACAACAGGGGTTTGG	Bishop et al. (1994)
22	BM1818 (D23S21)	23	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGCTTTCAAGGTCCATGC	Bishop et al. (1994)
23	BM1824 (D1S34)	1	GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC CATTCTCCAAGTCTTCTTG	Bishop et al. (1994)
24	HEL13 <sup>5</sup> (D11S15)	11	TAAGGACTTGAGATAAGGAG CCATCTACCTCCATCTTAAC	Kaukinen & Varvio (1993)
25	ILSTS006 (D7S8)	7	TGTCTGATTTCTGCTGTGG ACACGGAAGCGATCTAAACG	Brezinsky et al. (1993b)
26	ILSTS030 (D2S44)	2	CTGCAGTTCTGCATATGTGG CTTAGACAACAGGGGTTTGG	Kemp et al. (1995)
27	ILSTS034 <sup>4</sup> (D5S54)	5	AAGGGTCTAAGTCCACTGGC GACCTGGTTTAGCAGAGAGC	Kemp et al. (1995)
28	ILSTS033 <sup>2</sup> (D12S31)	12	TATTAGAGTGGCTCAGTGCC ATGCAGACAGTTTTAGAGGG	Kemp et al. (1995)
29	ILSTS011 <sup>3</sup> (D14S16)	14	GCTTGCTACATGGAAAGTGC CTAAAATGCAGAGCCCTACC	Brezinsky et al. (1993c)
30	ILSTS054 <sup>1</sup> (D21S44)	21	GAGGATCTTGATTTTGATGTCC AGGGCCACTATGGTACTTCC	Kemp et al. (1995)

<sup>1, 2, 3, 4, 5</sup> la distancia genética entre pares de marcadores sobre los mismos cromosomas no es conocida.

**Bovinos:** Informaciones complementarias : cuatro reacciones multiplex que incluyen los marcadores listados debajo son:

<b>Marcadores</b>	<b>Tamaño aproximado</b>
ETH10 (D5S3)	210-226 bp
ETH225 (D9S1)	140-156 bp
ETH3 (D19S2)	117-129 bp
INRA005 (D12S4)	119-123 bp
INRA023 (D3S10)	197-223 bp
INRA063 (D18S5)	176-186 bp
HEL13 (D11S5)	198 bp
HEL5 (D21S15)	161 bp
HEL1 (D15S10)	110 bp
BM1818 (D23S21)	270-258 bp
BM1824 (D1S34)	178-190 bp
BM2113 (D2S26)	125-143 bp

Los criterios no han sido cumplidos para todos los marcadores debido principalmente a un esfuerzo de unir esta lista con los esfuerzos de screening en curso. En algunos casos se ha retenido más de un marcador para un mismo cromosoma. Esto no debería complicar los estudios de poblaciones a menos que ellos estén estrechamente ligados. Sin embargo, las posiciones relativas de ciertos pares no son conocidas por el autor por el momento.

Una información complementaria y potencialmente importante a tener en cuenta es el hecho que un juego de marcadores está disponible comercialmente por la firma Applied Biosystems y estos son susceptibles de llegar a ser importantes si un gran número de laboratorios los utilizan. Varios informantes han indicado que estos marcadores son actualmente utilizados. La información que sigue a continuación ha sido provista por Stephen Bates, Perkin Elmer, Applied Biosystems Division, quien indicó también que, aunque estos marcadores estén patentados, no debería haber dificultades con los investigadores que desearan preparar sus propios primers para un uso no comercial.

Microsatélites que son optimizados por multiplexado fluorescente; dos cuadruplex y un triplex.

**Bovinos**

<b>Marcadores</b>	<b>Fluorochrome</b>	<b>Tamaño</b>	<b>Chromosoma</b>
TGLA48(D7S26)	Tet (green)	68 – 86	7
TGLA263 (D3S34)	Tet (green)	110 – 130	3
TGLA53(D16S3)	Tet (green)	144 – 178	16
MGTG7(D23S5)	Tet (green)	273 – 300	23
TGLA57 (D1S8)	Fam (blue)	70 – 100	1
TGLA73 (D9S3)	Fam (blue)	102 – 128	9
MGTG4B (D4S5)	Fam (blue)	129 – 164	4
AGLA293 (D5S13)	Fam (blue)	196 – 260	5
TGLA227 (D18S1)	Hex (yellow)	80 – 100	18
TGLA126 (D20S1)	Hex (yellow)	108- 129	20
TGLA122 (D21S6)	Hex (yellow)	130 - 164	21

Estos primers están incluidos en dos mapas ya publicados (Bishop et al. 1994 ; Barendse et al 1994). La referencia original es : Georges, M. and Massey J. 1992. Polymorphic DNA markers in Bovidae (World Intellectual Property Org., Geneva) WO Publ. No. 92/ 13102.

Un desarrollo reciente, el cual puede influenciar la elección del marcador, está representado por los resultados publicados por el Grupo del ISAG sobre los grupos sanguíneos bovinos presidido por Jerry Caldwell. Este grupo está evaluando 30 marcadores microsatélites para tratar de homogeneizar un conjunto que pueda ser utilizado por los laboratorios de investigación de parentesco en el mundo entero.

## Referencias

- Barendse, W., Armitage, S.M.** 1994. A genetic linkage map of the bovine genome. *Nature Genetics* 6: 227-235.
- Bishop, M.D., Kappes, S.M.** 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics* 136: 619-639.
- Brezinsky, L.S., Kemp, J., Teale, A.J.** 1993a. ILSTS005: a polymorphic bovine microsatellite. *Anim. Genet.* 24: 73.
- Brezinsky, L.S., Kemp, J., Teale, A.J.** 1993b. ILSTS006: a polymorphic bovine microsatellite. *Anim. Genet.* 24: 73.
- Brezinsky, L.S., Kemp, J., Teale, A.J.** 1993c. Five polymorphic bovine microsatellites (ILSTS010-014). *Anim. Genet.* 24: 75-76.
- Fries, R., Eggen, A., Womack, J.E.** 1993 The bovine genome map. *Mamm. Genome* 4: 405-428.
- Kaukinen, J., Varvio, S.L.** 1993. Eight polymorphic bovine microsatellites. *Anim. Genet.* 24: 148.
- Kemp, S.J., Hishida, O. et al.** 1995. A panel of polymorphic bovine, ovine and caprine microsatellite markers. *Anim. Genet.* 26:299-306.
- Mommens, G.W., Coppieters, A. et al.** 1994. Dinucleotide repeat polymorphism at the bovine MM12E6 and MM8D3 loci. *Anim. Genet.* 25: 368.
- Moore, S.S., Byrne, K.** 1994. Characterization of 65 bovine microsatellites. *Mamm. Genome* 5: 84-90.
- Solinas Toldo, S., Fries, R.** 1993. Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor loci on bovine chromosomes. *Mamm. Genome* 4:720-727.
- Steffen, P., Eggen, A.** 1993. Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Anim. Genet.* 24: 121-124.
- Vaiman, D., Osta, D.** 1992. Characterisation of five new bovine microsatellite repeats. *Anim. Genet.* 23: 537.
- Vaiman, D., Mercier, D.** 1994. A set of 99 cattle microsatellites: characterisation, synteny mapping, and polymorphism. *Mamm. Genome* 5:288-297.

► 2.2. Gallina

**Gallina:** (reunido por N. Bumstead)

<b>Marcador</b>	<b>Chr.</b>	<b>Secuencias de primers (5'-3')</b>	<b>T</b>	<b>Referencia</b>
MCW41	C3	CCCAATGTGCTTGAATAACTTGGG CCAGATTCTCAATAACAATGGCAG	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW43	E1	TGACTACTTTGATACGCATGGAGA CACCAAGTAGACGAAAACACATTT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW44	?	AGTCCGAGCTCTGCTCGCCTCATA ACAGTGGCTCAGTGGGAAGTGACC	50	Crooijmans et al. (1995)
MCW48	C4	CGTATAGGAGGGTTTCTGCAGGGA AAGGAGGAACGCACCGCACCTTCT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW49	C6E1	AGCGGCGTTGAGTGAGAGGAGCGA TCCCAACCCGCGGAGAGCGCTAT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW50	?	GGTGTCCGCACCCCGGAGCTTCTT GCAGCATCGCGCAGCACCGCGGAT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW51	C3E6	GGAACAAGCTCTTTCTTCTTCCCG TCATGGAGGTGCTGGTACAAAGAC	50	Crooijmans et al. (1995)
MCW59	C1E2	AAGTGCCTTTGCTATCCTGATTGG AACTCCTATTGTGCAGCAGCTTAT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW71	?	TGGCGTTATTTCAAACGACCGTA GCGGTCGTTGCGTCCTTATTTTAA	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW73	C33E46	TATTTACCCACGGGGACGAATAC AGGGTGCTGAGAGCTGCCAATGTC	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW75	E no junta	CGTCAAGCCAGATGCTGATGAGTG ATTCCAACCAGAAGTTTGAATCGC	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW1	C4E28	ACTGTCACAGTGGGGTCATGGACA ACACGTCCTGTGTCACATGCCTGT	50	Crooijmans et al. (1995)
MCW2	C4	TCCAGAGACAGTTGCTCCACATTC GCAAGTTAGTTATTGTAGGGGCTC	50	Crooijmans et al. (1994)
MCW4	E2	GGATTACAGCACCTGAAGCCACTA AAACCAGCCATGGGTGCAGATTGG	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW5	C11E5	ACCTCCTGCTGGCAAATAAATTGC TCACTTTAGCTCCATCAGGATTCA	55	Crooijmans et al. (1994)

**Gallina:** Sigue

<b>Marcador</b>	<b>Chr.</b>	<b>Secuencias de primers (5'-3')</b>	<b>T</b>	<b>Referencia</b>
MCW14	E11	AAAATATTGGCTCTAGGAACTGTC ACCGGAAATGAAGGTAAGACTAGC	55	Crooijmans et al. (1994)
MCW16	E2	ATGGCGCAGAAGGCAAAGCGATAT TGGCTTCTGAAGCAGTTGCTATGG	50	Crooijmans et al. (1994)
ADL102	C30E29	TTCCACCTTTCTTTTTTATT GCTCCACTCCCTTCTAACCC	47	Cheng et al. (1995)
ADL136	E5C10	TGTCAAGCCCATCGTATCAC CCACCTCCTTCTCCTGTTCA	52	Cheng et al. (1995)
ADL158	C30E29	TGGCATGGTTGAGGAATACA TAGGTGCTGCACTGGAAATC	52	Cheng et al. (1995)
ADL171	E43	ACAGGATTCTTGAGATTTTT GGTCTTAGCAGTGTTTGT	46	Cheng et al. (1995)
ADL172	E42	CCCTACAACAAAGAGCAGTG CTATGGAATAAAATGGAAAT	49	Cheng et al. (1995)
ADL176	E6	TTGTGGATTCTGGTGGTAGC TTCTCCCGTAACACTCGTCA	52	Cheng et al. (1995)
ADL210	E30	ACAGGAGGATAGTCACACAT GCCAAAAAGATGAATGAGTA	46	Cheng et al. (1995)
ADL267	C3E6	AAACCTCGATCAGGAAGCAT GTTATTCAAAGCCCCACCAC	50	Cheng et al. (1995)

**Referencias**

**Crooijmans, R.P.M.A., van Kampen, A.J.A.** 1994. New microsatellite markers on the linkage map of the chicken genome. *J Hered* 85: 10-413.

**Crooijmans, R.P.M.A., van der Poel, J.J., Groenen, M.A.M.** 1995. Functional genes mapped on the chicken genome. *Anim. Genet.* 26: 73-78.

**Cheng, H.H., Levin, I.** 1995. Developing of a genetic map of the chicken with markers of high utility. *Poultry Science* 74: 1855-1874.

### ►• 2.3. Oveja

(reunido por A. Crawford)

Un marcador debe satisfacer los siguientes criterios para ser incluido en la lista:

1. Ser amplificado por un programa PCR corriente. El programa "Touchdown" siguiente es utilizado:

3 ciclos	95 C	45 segs
	60 C	1 min
3 ciclos	95 C	45 segs
	57 C	1 min
3 ciclos	95 C	45 segs
	54 C	1 min
3 ciclos	95 C	45 segs
	51 C	1 min
20 ciclos	92 C	45 segs
	48 C	1 min

No hay etapa de extensión. El buffer está publicado con los informes del marcador (ej. Ede et al., 1994b). Para detectar el producto PCR, uno de los primers es marcado con P33 o P32.

2. Tener un mínimo de cinco alelos y un PIC (valor informativo de un polimorfismo) superior a 0.6,
3. Lo más importante: tener productos PCR limpios, fáciles a leer y a reconocer.

**Oveja:**

<b>Marcadores</b>	<b>Chr</b>	<b>Secuencia de primers (5' - 3')*</b>	<b>Referencia</b>
BM1314*	22	TTCCTCCTCTTCTCTCCAAAC ATCTCAAACGCCAGTGTGG	Bishop et al. (1994)
BM6506*	1	GCACGTGGTAAAGAGATGGC AGCAACTTGAGCATGGCAC	Bishop et al. (1994)
BM6526*	26	CATGCCAAACAATATCCAGC TGAAGGTAGAGAGCAAGCAGC	Bishop et al. (1994)
BM757*	9	TGGAAACAATGTAAACCTGGG TTGAGCCACCAAGGAACC	Bishop et al. (1994)
BM8125*	17	CTCTATCTGTGGAAAAGGTGGG GGGGGTTAGACTTCAACATACG	Bishop et al. (1994)
BM827*	3	GGGCTGGTCGTATGCTGAG GTTGGACTTGCTGAAGTGACC	Bishop et al. (1994)
CSSM31*	23	CCAAGTTTAGTACTTGTAAAGTAGA GACTCTCTAGCACTTTATCTGTGT	Moore et al. (1994)
CSSM47*	2	TCTCTGTCTCTATCACTATATGGC CTGGGCACCTGAAACTATCATCAT	Moore et al. (1994)
HUJ616*	13	TTCAAACACTACACATTGACAGGG GGACCTTTGGCAATGGAAGG	Barendse et al. (1994)
ILSTS002*	14	TCTATACACATGTGCTGTGC CTTAGGGGTGAAGTGACACG	Kemp et al. (1992)
OarAE129	5	AATCCAGTGTGTGAAAGACTAATCCAG GTAGATCAAGATATAGAATATTTTTCAACACC	Penty et al. (1993)
OarCP20	21	GATCCCCTGGAGGAGGAAACGG GGCATTTCATGGCTTTAGCAGG	Ede et al. (1994a)
OarCP34	3	GCTGAACAATGTGATATGTTTCAGG GGGACAATACTGTCTTAGATGCTGC	Ede et al. (1994b)
OarCP38	10	CAACTTTGGTGCATATTCAAGGTTGC GCAGTCGCAGCAGGCTGAAGAGG	Ede et al. (1994b)
OarFCB128	2	CAGCTGAGCAACTAAGACATACATGCG ATTAAAGCATCTTCTCTTTATTTCTCGC	Buchanan & Crawford (1993)
OarFCB20	2	AAATGTGTTTAAGATTCCATACA GTG GGAAAACCCCATATATACCTATAC	Buchanan et al (1994)
OarFCB48	17	GAGTTAGTACAAGGATGACAAGAGGCAC GACTCTAGAGGATCGCAAAGAACCAG	Buchanan et al. (1994)

Sigue



**Oveja:** Sigue

<b>Marcadores</b>	<b>Chr</b>	<b>Secuencia de primers (5' - 3')*</b>	<b>Referencia</b>
OarHH35	4	AATTGCATTCAGTATCTTTAACATCTGGC ATGAAAATATAAAGAGAATGAACCACACGG	Henry et al. (1993)
OarHH41	10	TCCACAGGCTTAAATCTATATAGCAACC CCAGCTAAAGATAAAAGATGATGTGGGAG	Henry et al. (1993)
OarHH47	18	TTTATTGACAAACTCTCTTCTAACTCCACC GTAGTTATTTAAAAAATATCATACTCTTAAGG	Henry et al. (1993)
OarHH64	4	CGTTCCTCACTATGGAAAGTTATATATGC CACTCTATTGTAAGAATTTGAATGAGAGC	Henry et al. (1993)
OarJMP29	24	GTATACACGTGGACACCGCTTTGTAC GAAGTGGCAAGATTCAGAGGGGAAG	Penty et al. (in prep.)
OarJMP8	6	CGGGATGATCTTCTGTCCAAATATGC CATTTGCTTTGGCTTCAGAACCAGAG	Penty et al. (in prep.)
OarVH72	25	CTCTAGAGGATCTGGAATGCAAAGCTC GGCCTCTCAAGGGGCAAGAGCAGG	Pierson et al. (1993)
OMHC1	20	ATCTGGTGGGCTACAGTCCATG GCAATGCTTTCTAAATTCTGAGGAA	Groth & Wetherall (1994)
RM4*	15	CAGCAAATATCAGCAAACCT CCACCTGGGAAGGCCTTTA	Kossarek et al. (1993)
TGLA137*/**	5	GTTGACTTGTTAATCACTGACAGCC CCTTAGACACACGTGAAGTCCAC	Georges & Massey (1992)

\* Microsatélite bovino

\*\* Las secuencias de los primers para los marcadores TGLA fueron tomadas de las secuencias indicadas en la patente (Georges & Massey, 1992) ; por tal razón, ellas pueden ser diferentes de las secuencias de los primers bovinos publicadas para el mismo marcador.

## Referencias

**Barendse, W., Armitage, S.M.** 1994. A genetic linkage map of the bovine genome. *Nat. Genet.* 6:227-235.

**Bishop, M.D., Kappes, S.M. et al.** 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics* 136:619-639.

**Buchanan, F.C. and Crawford, A.M.** 1993. Ovine microsatellites at the OarFCB11, OarFCB128, OarFCB193, OarFCB266 and OarFCB304 loci. *Anim. Genet.* 24: 145.

**Buchanan, F.C., Galloway, S.M. and Crawford, A.M.** 1994. Ovine microsatellites at the OarFCB5, Oar FCB19, OarFCB20, OarFCB48, OarFCB129 and OarFCB226 loci. *Anim. Genet.* 25: 60.

**Ede, A.J., Pierson, C.A. and Crawford, A.M.** 1994a. Ovine microsatellites at the OarCP9, OarCP16, OarCP20, OarCP21, OarCP23 and OarCP26 loci. *Anim. Genet.* 26:129-130.

**Ede, A.J., Pierson, C.A. and Crawford, A.M.** 1994b. Ovine microsatellites at the OarCP34, OarCP38, OarCP43, OarCP49, OarCP73 and OarCP79 loci. *Anim. Genet.* 26: 130-131.

**Georges, M. and Massey, J.** 1992: Polymorphic DNA markers in Bovidae, (World Intellectual Property Org., Geneva) WO Publ. No. 92/13120.

**Groth, D.M. and Weatherall, J.D.** 1994. Dinucleotide repeat polymorphism within the ovine major histocompatibility complex class I region. *Anim. Genet.* 25:61.

**Henry, H.M., Penty, J.M. et al.** 1993. Ovine microsatellites at the OarHH35, OarHH41, OarHH44, OarHH47 and OarHH64 loci. *Anim. Genet.* 24: 223.

**Kemp, S.J., Brezinsky, L and Teale, A.J.** 1992. ILSTS002: a polymorphic bovine microsatellite. *Anim. Genet.* 23: 184.

**Kossarek, L.M., Grosse, W.M. et al.** 1993. Bovine dinucleotide repeat polymorphism RM004. *J. Anim. Sci.* 71: 3175.

**Moore, S.S., Byrne, K.** 1994. Characterisation of 65 bovine microsatellites. *Mamm. Genome* 5: 84-90.

**Penty, J.M., Henry, H.M.** 1993. Ovine microsatellites at the OarAE16, OarAE54, OarAE57, OarAE119 and OarAE129 loci. *Anim. Genet.* 24: 219.

**Pierson, C.A., Hanrahan, V. et al.** 1993. Ovine microsatellites at the OarVH34, OarVH41, OarVH58, OarVH61 and OarVH72 loci. *Anim. Genet.* 24: 224.

## ►• 2.4. Cerdo

(reunido por D. Milan, INRA, Laboratoire de Génétique Cellulaire, F-31326, Castanet Tolosan, FRANCE (milan@toulouse.inra.fr) con la ayuda de M. Groenen, Wageningen Agricultural Univ., Dept. Animal Breeding, NL-6701 BH Wageningen, THE NETHERLANDS (Martien.Groenen@ALG.VF.wau.nl))

1. Veintisiete marcadores \*\*\*(alta calidad) o \*\* (calidad media) han sido seleccionados. Hay dos marcadores más que los 25 requeridos lo que permitirá rechazar dos marcadores si fuese necesario. Se ha dado preferencia a los marcadores altamente polimórficos.
2. Se ha seleccionado un marcador por cada cromosoma (aparte el cromosoma 18) y, si fuese posible, un marcador de cada brazo de los cromosomas más largos. No se encuentran marcadores a una distancia menor a los 35 cM.
3. Los marcadores para los cuales ningún alelo ha sido informado y los marcadores que producen patrones que no pueden ser interpretados sin ambigüedad, han sido evitados.
4. Se ha dado preferencia a los marcadores que pueden ser analizados sobre secuenciadores automáticos (testeados sobre secuenciador ABI en al menos un laboratorio). Esto significa que ninguna banda artefacto es amplificada y que varios marcadores de mismo color pueden ser cargados simultáneamente en la misma pista (esto debería ser posible también utilizando secuenciador manual o automático).
5. Todos los marcadores han sido reagrupados en 9 subconjuntos analizables sobre 3 gels en los secuenciadores ABI (Applied Biosystem Inc.). La diferencia de tamaño entre dos marcadores adyacentes es de al menos 30 pb (de manera de permitir la

identificación de nuevos alelos fuera del rango mínimo-máximo del fragmento).

6. ADN control, para una estimación correcta del tamaño de los alelos, puede ser obtenido a través de D. Milan.

**Cerdo:** Listas de marcadores separados por subconjuntos (set):

Marc.	Set	Chr.	Propuesto por		Calidad		Tamaño		Diferencia
			T	W	T	W	Min	Max	
CGA	1	1p		X		***	250	320	
S0101	1	7		X	***	***	197	216	34
S0215	1	13	X		***		135	169	28
S0355	2	15	X		***		243	277	
SW911	2	9	X	X	***	***	153	177	66
SW936	2	15	X		***		80	117	36
S0068	3	13		X		***	211	260	
SW632	3	7	X		***		159	180	31
SW24	3	17	X		***		96	121	38
S0227	4	4	X	X	**	**	231	256	
S0225	4	8	X	X	***	***	170	196	35
SW122	4	6		X		***	110	122	48
S0090	5	12	X	X	***	***	244	251	
S0226	5	2q	X		***		181	205	45
SW951	5	10	X		**		125	133	48
S0228	6	6	X		**		222	249	
S0218	6	X	X		***		164	184	38
S0178	6	8	X		***		110	124	
S0005	7	5	X	X	***	***	205	248	
S0386	7	11	X		**		156	174	31
SW72	7	3p		X	***	***	100	116	40
S0002	8	3q	X		***		190	216	
SW857	8	14	X	X	***	***	144	160	30
S0026	8	16		X		**	92	106	38
IGF1	9	5	X	X	***	***	197	209	35
S0155	9	1q	X		***		150	166	31
SW240	9	2p	X	X	***	***	96	115	35

T : Toulouse; W : Wageningen.

Diferencia : Diferencia en pb entre dos marcadores adyacentes perteneciendo al mismo subconjunto.

**Cerdo:** Lista de marcadores separados por cromosoma:

Marc.	Chr.	Set	Propuesto por		Calidad		Tamaño		Distancia cM
			T	W	T	W	Min	Max	
CGA	1p	1		X		***	250	320	-
S0155	1q	9	X		***		150	166	50
SW240	2p	9	X	X	***	***	96	115	-
S0226	2q	5	X			***	181	205	50
SW72	3p	7		X	***	***	100	116	-
S0002	3q	8	X		***		190	216	105
S0227	4	4	X	X	**	**	231	256	-
IGF1	5	9	X	X	***	***	197	209	-
S0005	5	7	X	X	***	***	205	248	40
SW122	6	4		X		***	110	122	35
S0228	6	6	X		**		222	249	-
S0101	7	1		X	***	***	197	216	-
SW632	7	3	X		***		159	180	60
S0225	8	4	X	X	***	***	170	196	-
S0178	8	6	X		***		110	124	>50
SW911	9	2	X	X	***	***	153	177	-
Sw951	10	5	X		**		125	133	-
S0386	11	7	X		**		156	174	-
S0090	12	5	X	X	***	***	244	251	-
S0215	13	1	X		***		135	169	-
S0068	13	3		X		***	211	260	55
SW857	14	8	X	X	***	***	144	160	-
S0355	15	2	X		***		243	277	-
SW936	15	2	X		***		80	117	70
S0026	16	8		X		**	92	106	-
SW24	17	3	X		***		96	121	-
S0218	X	6	X		***		164	184	-

T: Toulouse    W: Wageningen

Distancia: distancia entre marcadores adyacentes.

**Cerdo:**

<b>Marcador</b>	<b>Secuencia de primers (5'-3')</b>	<b>Fluorocromo</b>	<b>T° hibrid / MgC12(mM)</b>	<b>Referencia</b>
CGA	ATAGACATTATGTCCGTTGCTGAT GAACTTTCACATCCCTAAGGTCGT	X	62 / 1.5	(1, 2)
IGF1	GCTTGGATGGACCATGTTG CATATTTTTCTGCATAACTTGAACCT	X	58 / 1.5	(3, 1, 2, 4)
S0002	GAAGCCCAAAGAGACAACCTGC GTTCTTTACCCACTGAGCCA	X	62 / 1.5	(5, 4, 2, 6)
S0005	TCCTTCCCTCCTGGTAACTA GCACTTCTGATTCTGGGTA	X	58 / 1.5	(5, 1, 4, 2)
S0026	AACCTTCCCTTCCCAATCAC CACAGACTGCTTTTTACTCC	X	55 / 1.5	(2, 7)
S0068	AGTGGTCTCTCTCCCTCTTGCT CCTTCAACCTTTGAGCAAGAAC	X	62 / 1.5	(5, 1, 4, 2)
S0090	CCAAGACTGCCTTGTAGGTGAATA GCTATCAAGTATTGTACCATTAGG	X	58 / 1.5	(8, 4, 2)
S0101	GAATGCAAAGAGTTCAGTGTAGG GTCTCCCTCACACTTACCGCAG	X	60 / 1.5	(1)
S0155	TGTTCTCTGTTTCTCCTCTGTTTG AAAGTGGAAAGAGTCAATGGCTAT	X	55 / 1.5	(1, 2)
S0178	TAGCCTGGGAACCTCCACACGCTG GGCACCAGGAATCTGCAATCCAGT	X	58 / 1.5	(1)
S0215	TAGGCTCAGACCCTGCTGCAT TGGGAGGCTGAAGGATTGGGT	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0218	GTGTAGGCTGGCGGTTGT CCCTGAAACCTAAAGCAAAG	X	55 / 2.0	(9, 2)
S0225	GCTAATGCCAGAGAAATGCAGA CAGGTGGAAAGAATGGAATGAA	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0226	GCACTTTTAACTTTCATGATACTCC GGTTAAACTTTTNCCTCAATACA	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0227	GATCCATTTATAATTTTAGCACAAAGT GCATGGTGTGATGCTATGTCAAGC	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0228	GGCATAGGCTGGCAGCAACA AGCCACCTCATCTTATCTACT	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0355	TCTGGCTCCTACTCCTTCTTGATG TTGGGTGGGTGCTGAAAAATAGGA	X	55 / 4.0	(10)

**Cerdo:** Sigue

<b>Marcador</b>	<b>Secuencia de primers (5'-3')</b>	<b>Fluorocromo</b>	<b>T° hibrid./ MgC12(mM)</b>	<b>Referencia</b>
S0386	TCCTGGGTCTTATTTTCTA TTTTTATCTCCAACAGTAT	X	48 / 3.0	(11)
SW24	CTTTGGGTGGAGTGTGTGC ATCCAAATGCTGCAAGCG	X	58 / 1.5	(4)
SW122	TTGTCTTTTTATTTTGCTTTTGG CAAAAAAGGCAAAAGATTGACA		58 / 1.5	(4)
SW857	AGAAATTAGTGCCTCAAATTGG AAACCATTAAGTCCCTAGCAAA	X	58 / 1.5	(4)
SW240	TGGGTTGAAAGATTTCCCAA GGAGTCAGTACTTTGGCTTGA	X	58 / 1.5	(4)
SW632	ATCAGAACAGTGCGCCGT TTTGAAAATGGGGTGTTC	X	58 / 1.5	(4)
SW72	TGAGAGGTCAGTTACAGAAGACC GATCCTCCTCCAAATCCCAT	X	58 / 1.5	(4)
SW911	CTCAGTTCTTTGGGACTGAACC CATCTGTGGAAAAAAAAAAGCC	X	60 / 1.5	(4)
SW936	TCTGGAGCTAGCATAAGTGCC GTGCAAGTACACATGCAGGG	X	58 / 1.5	(4, 10)
SW951	TTTCACAACCTCTGGCACCAG GATCGTGCCCAAATGGAC	X	58 / 1.5	(4)

**Referencias**

- 1. Ellegren, H., Chowdhary, B. et al.** 1994. A primary linkage map of the porcine genome reveals a low rate of genetic recombination. *Genetics* 137: 1089-1100.
- 2. Archibald, A., Brown, J.** 1995. The PiGMaP consortium linkage map of the pig (*sus scrofa*). *Mamm. Genome* 6: 157-175.
- 3. Wintero, A., Fredholm, M., Andersson, L.** 1994. Assignment of the gene for porcine insulin like growth factor (IGF1) to chromosome 5 by linkage mapping. *Anim. Genet.* 25: 37-39.
- 4. Rohrer, G.A., Alexander, L.J.** 1994. A microsatellite linkage map of the porcine genome. *Genetics* 136: 231-245.

5. **Fredholm, M., Wintero, A.K.** 1993. Characterization of 24 porcine (dA-dC)<sub>n</sub>-(dT-dG)<sub>n</sub> microsatellites: genotyping of unrelated animals from four breeds and linkage studies. *Mamm. Genome* 4: 187-192.
6. **Yerle, M., Lahbib-Mansais, Y.** 1995. The PiGMap consortium cytogenetic map of the domestic pig (*Sus Scrofa*). *Mamm. Genome* 6: 176-186.
7. **Coppieters, W., v. d. Weghe, A.** 1993. Characterization of porcine polymorphic microsatellite loci. *Anim. Genet.* 24 : 163-170.
8. **Ellegren, H., Johansson, M.** 1993. Assignment of 20 microsatellite markers to the porcine linkage map. *Genomics* 16:431-439.
9. **Robic, A., Dalens, M.** 1994. Isolation of 28 new porcine microsatellites revealing polymorphism. *Mamm. Genome* 5: 580-583.
10. **Milan, D., Woloszyn, N.** 1996. Accurate Mapping of the acid meatRN gene on genetic and physical maps of pig chromosome 15. *Mamm. Genome* 7:
11. **Riquet, J., Milan, D.** 1995. A linkage map with microsatellites isolated from swine flow-sorted Chromosome 11. *Mamm. Genome* 6: 623-628.